

## Resistência de genótipos de meloeiro ao amarelão em condições de ocorrência natural da doença





***Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
Embrapa Hortaliças  
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento***

## **BOLETIM DE PESQUISA E DESENVOLVIMENTO**

### **181**

# **Resistência de genótipos de meloeiro ao amarelão em condições de ocorrência natural da doença**

*Valter Rodrigues Oliveira  
Mirtes Freitas Lima  
Rita de Cássia Sousa Dias  
Alexandre Augusto de Moraes  
Antonio Williams Moita*

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na

**Embrapa Hortaliças**

Rodovia BR-060, trecho Brasília-Anápolis, km 9  
Caixa Postal 218  
Brasília-DF  
CEP 70.275-970  
Fone: (61) 3385.9000  
Fax: (61) 3556.5744  
[www.embrapa.br/fale-conosco/sac](http://www.embrapa.br/fale-conosco/sac)  
[www.embrapa.br](http://www.embrapa.br)

Comitê Local de Publicações  
da Embrapa Hortaliças

Presidente  
*Henrique Martins Gianvecchio Carvalho*

Editora Técnica  
*Flávia M. V. T. Clemente*

Secretária  
*Clidineia Inez do Nascimento*

Membros  
*Geovane Bernardo Amaro*  
*Lucimeire Pilon*  
*Raphael Augusto de Castro e Melo*  
*Carlos Alberto Lopes*  
*Marçal Henrique Amici Jorge*  
*Alexandre Augusto de Moraes*  
*Giovani Olegário da Silva*  
*Francisco Herbeth Costa dos Santos*  
*Caroline Jácome Costa*  
*Iriani Rodrigues Maldonado*  
*Francisco Vilela Resende*  
*Italo Moraes Rocha Guedes*

Supervisor Editorial  
*George James*

Normalização Bibliográfica  
*Antonia Veras de Souza*

Tratamento de ilustrações  
*André L. Garcia*

Projeto gráfico da coleção  
*Carlos Eduardo Felice Barbeiro*

Editoração eletrônica  
*André L. Garcia*

Foto da capa  
*Valter Rodrigues Oliveira*

**Todos os direitos reservados.**

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte,  
constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)**

Embrapa Hortaliças

---

Resistência de genótipos de meloeiro ao amarelão em condições de ocorrência natural da  
doença / Valter Rodrigues Oliveira ... [et al.]. - Brasília, DF: Embrapa Hortaliças, 2019.  
28 p. : il. color. (Boletim de pesquisa e desenvolvimento / Embrapa Hortaliças,  
ISSN 1677-2229 ; 181).

1. Melão. 2. Doença de planta. 3. Variedade resistente. I. Oliveira, Valter Rodrigues.  
II. Embrapa Hortaliças. III. Série.

CDD 635.611

# Sumário

Resumo .....7

Abstract .....9

Introdução..... 11

Material e Métodos .....12

Resultados e Discussão .....17

Conclusões.....24

Referências .....24



# Resistência de genótipos de meloeiro ao amarelão em condições de ocorrência natural da doença

Valter Rodrigues Oliveira<sup>1</sup>

Mirtes Freitas Lima<sup>2</sup>

Rita de Cássia Sousa Dias<sup>3</sup>

Alexandre Augusto de Moraes<sup>4</sup>

Antonio Williams Moita<sup>5</sup>

**Resumo** – O amarelão do meloeiro, doença que se manifesta pela clorose generalizada das folhas, encontra-se disseminada nas principais localidades produtoras de melão do Nordeste brasileiro. É causada por *Melon yellowing associated virus* (MYaV), transmitido por mosca-branca (*Bemisia tabaci* biótipo B), mas estudos recentes indicam a possibilidade de envolvimento de outros vírus que causam sintomas de amarelecimento em meloeiro, como *Cucurbit aphid-borne yellows virus* (CABYV). Meloeiros doentes produzem frutos com menor teor de sólidos solúveis e, conseqüentemente, de menor valor comercial. O uso de cultivares resistentes à doença é uma alternativa de controle, o que requer a identificação de potenciais fontes da resistência. Dessa forma, o objetivo do presente trabalho foi avaliar o nível de resistência de genótipos de meloeiro quanto à infecção natural das plantas por MYaV transmitido por mosca branca, em condições de campo aberto na região do Submédio do Vale do Rio São Francisco. Foram avaliados 51 genótipos de *Cucumis melo* L. da coleção de trabalho do Programa de Melhoramento de Meloeiro da Embrapa Hortaliças, sendo dois da subespécie *agrestis*, dois sem subespécie definida e os demais da subespécie *melo*. O experimento foi conduzido de outubro a dezembro de 2015, na Estação Experimental de Mandacaru da Embrapa Semiárido, Juazeiro-BA. Para avaliação da

---

<sup>1</sup> Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento, pesquisador da Embrapa Hortaliças, Brasília, DF.

<sup>2</sup> Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Hortaliças, Brasília, DF.

<sup>3</sup> Engenheira-agrônoma, doutora em Biotecnologia, pesquisadora da Embrapa Semiárido, Petrolina, PE.

<sup>4</sup> Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Hortaliças, Brasília, DF.

<sup>5</sup> Matemático, mestre em Agronomia (Estatística e Experimentação Agronômica), pesquisador da Embrapa Hortaliças, Brasília, DF.

severidade do amarelão nos genótipos, adotou-se escala de notas com seis classes de severidade: S0 = ausência de clorose nas folhas; S1 = clorose em até 25% das folhas; S2 = clorose em mais de 25% até 50% das folhas; S3 = clorose em mais de 50% até 75% das folhas; S4 = clorose em mais de 75% até menos de 100% das folhas; S5 = clorose em 100% das folhas. Os genótipos MEL962, MEL1061, MEL1062, MEL1065, MEL1068, MEL1077, MEL473 e MEL477 apresentaram baixa severidade do amarelão e são potenciais fontes de resistência/tolerância à doença. Destes, MEL962, MEL1062 e MEL1077 apresentaram valores de severidade sistematicamente baixos e são considerados os mais promissores como fontes de genes para o desenvolvimento de cultivares resistentes.

**Termos para indexação:** *Cucumis melo* L., *Melon yellowing associated virus*, resistência.



## Resistance of *cucumis melo* genotypes against melon-yellowing disease under open-field conditions

**Abstract** – The yellowing disease of melon crop, caused by *Melon yellowing associated virus* (MYaV), is widespread in the major production areas of the Brazilian Northeast region. The virus is transmitted by whitefly (*Bemisia tabaci* biotype B) and the main disease symptom is general chlorosis of leaves. However, recent studies indicate the possibility of the involvement of other viruses like *Cucurbit aphid-borne yellows virus* (CABYV), that cause the same kind of chlorosis symptoms in melon plants in the field. MYaV-infected plants produce fruits with lower soluble solids content and, consequently, of lower commercial value. The use of resistant cultivars to the yellowing disease is an alternative control strategy, which requires the identification of potential sources of resistance. Thus, the objective of the present work was to evaluate the resistance of melon genotypes to natural infection by MYaV transmitted by whitefly, under open-field conditions in the São Francisco River Valley Basin. Fifty-one accessions of *Cucumis melo* L. working collection of Embrapa Vegetables were evaluated, being two of the *agrestis* subspecies, two without a defined subspecies classification and the remaining genotypes of the *melo* subspecies. The experiment was conducted from October to December 2015, in the Experimental Station of Embrapa, at Mandacaru Project, Juazeiro-BA, in the semi-arid region. Evaluation of disease severity was performed with a scale with six classes: S0 = absence of chlorosis in the leaves; S1 = chlorosis in up to 25% of the leaves; S2 = chlorosis in more than 25% up to 50% of leaves; S3 = chlorosis in more than 50% up to 75% of the leaves; S4 = chlorosis in more than 75% to less than 100% of the leaves; S5 = chlorosis in 100% of the leaves. The accessions MEL962, MEL1061, MEL1062, MEL1065, MEL1068, MEL1077, MEL473 and MEL477 presented low severity indexes of the yellowing disease and are considered as potential sources of resistance to MYaV. From these, the accessions MEL962, MEL1062, and MEL1077 were consistently associated with low values of severity, and are considered the most promising sources of resistance genes for the development of resistant cultivars.

**Index terms:** *Cucumis melo* L., *Melon yellowing associated virus*, resistance.



## Introdução

---

A doença popularmente denominada de “amarelão” do meloeiro foi relatada no Brasil no final da segunda metade de 1990, afetando áreas comerciais de produção no Nordeste, principal região produtora de melão do país (Nagata et al., 2003). A virose encontra-se disseminada nas principais localidades produtoras de melão (Polo Mossoró-Assu, no Rio Grande do Norte; Baixo Jaguaribe, no Ceará; Submédio do Vale do São Francisco, na Bahia e Pernambuco) (Lima et al., 2009).

A doença é causada por *Melon yellowing associated virus* (MYaV), pertencente ao gênero *Carlavirus*, na família *Betaflexiviridae* (Costa et al., 2017). O vírus é transmitido por mosca-branca (*Bemisia tabaci* biótipo B). A transmissão ocorre também por enxertia (Lima et al., 2002; Nagata et al., 2005), mas não por inoculação mecânica.

Muito recentemente, Costa et al. (2018) analisaram amostras de meloeiros com sintomas de clorose, coletadas na Região Nordeste e identificaram a presença de *Cucurbit aphid-borne yellows virus* (CABYV), por meio da utilização de técnicas de sequenciamento de última geração. O vírus já foi relatado infectando melão em outros países (Lemaire et al., 1993; Abou-Jawdah et al., 1997; Juarez et al., 2004; Mnari-Hattab et al., 2005), entretanto, até então, não havia relato de ocorrência de CABYV em melão no Brasil. Essa informação levanta a hipótese do envolvimento de outros vírus que causam sintomas de amarelecimento em meloeiro, como, por exemplo, CABYV.

Os sintomas da doença surgem após aproximadamente 30 dias do plantio, com clorose das folhas situadas na base da rama, evoluindo para as folhas mais novas (Lima et al., 2008). Segundo relatos de produtores, o prejuízo ao meloeiro se restringe à redução no teor de sólidos solúveis totais, depreciando os frutos comercialmente; entretanto, não há estudos que demonstrem os reais prejuízos decorrentes da infecção do meloeiro por MYaV nas áreas de produção do Nordeste.

Como medida de manejo da doença em regiões produtoras tem sido utilizado tecido-não-tecido na cobertura das mudas no campo, até cerca de 25 dias, quando na fase de florescimento, a manta é retirada para que ocorra a

polinização das plantas por insetos (Oliveira et al., 2017). O controle químico do inseto vetor também é muito empregado nas regiões de ocorrência da virose visando reduzir tanto o dano direto da mosca-branca como o dano indireto com a transmissão do MYaV. Entretanto, devido à complexidade das doenças virais e, principalmente, devido à inexistência de medidas curativas de controle para o “amarelão”, a incorporação de resistência genética em cultivares torna-se a alternativa mais eficiente e econômica para o controle da doença.

A coleção de trabalho do Programa de Melhoramento Genético de Meloeiro da Embrapa Hortaliças possui diversos acessos que são fontes de variabilidade genética, empregadas no melhoramento de cultivares de alta produtividade e qualidade e que atendam às exigências do mercado nacional e internacional. Até o momento, não há cultivares de meloeiro com resistência a MYaV disponíveis e fontes de resistência à doença precisam ser identificadas.

Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi avaliar a resistência de genótipos de meloeiro à infecção natural das plantas por MYaV pela mosca branca, em condições de campo aberto no Submédio do Vale do Rio São Francisco, Região Nordeste, local de ocorrência da doença.

## Material e Métodos

---

Foram avaliados 51 genótipos de meloeiro (*Cucumis melo* L.) da coleção de trabalho do Programa de Melhoramento Genético de Meloeiro da Embrapa Hortaliças, sendo dois da subespécie *agrestis*, dois sem identificação de subespécie e os demais da subespécie *melo* (Tabela 1). Os genótipos foram escolhidos por apresentarem boas qualidades agronômicas e ampla adaptação às condições de cultivo da região Nordeste e/ou por serem fontes de resistência a uma ou mais espécies virais que infectam o meloeiro.

O experimento foi conduzido de outubro a dezembro de 2015, em condições de campo aberto, na Estação Experimental de Mandacaru da Embrapa Semiárido, localizado no Perímetro Irrigado de Mandacaru, Juazeiro-BA. A incidência natural e a severidade do amarelão são normalmente altas neste local e época do ano, pois coincide com a safra local do melão, favorecendo

**Tabela 1.** Genótipos de *Cucumis melo* da coleção de trabalho do Programa de Melhoramento Genético de Meloeiro da Embrapa Hortaliças avaliados quanto a resistência à doença amarelão. Juazeiro-BA, 2015.

Genótipo	Subespécie
MEL70	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL71	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL72	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL77	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL78	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL79	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL233	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL247	Sem identificação de subespécie
MEL255	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL276	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL293	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL300	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL445	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL446	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL473	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL477	Sem identificação de subespécie
MEL499	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL687	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL689	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL690	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL691	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL692	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL720	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL830	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL850	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL939	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL961	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>agrestis</i>
MEL962	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>agrestis</i>
MEL1004	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1022	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1023	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>

(Continua)

**Tabela 1.** Continuação.

<b>Genótipo</b>	<b>Subespécie</b>
MEL1047	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1057	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1061	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1062	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1063	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1064	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1065	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1066	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1067	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1068	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1069	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1072	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1074	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1075	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1076	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1077	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1078	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1083	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1084	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>
MEL1085	<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>melo</i>

o aumento da população da mosca-branca, a disseminação do vírus e, consequentemente, a ocorrência de infecção das mudas.

O solo da área experimental é classificado como Vertissolo Salino (Silva et al., 2005) e os dados climáticos médios do período de condução do experimento foram: temperatura máxima = 35,9°C; temperatura média = 28,9°C; temperatura mínima = 20,5°C; umidade relativa do ar = 51,0%; precipitação pluviométrica = 7,9 mm.

As mudas dos genótipos foram produzidas em bandejas de poliestireno com 128 células preenchidas com substrato comercial para hortaliças (Plantmax®), mantidas em casa de vegetação. O solo da área experimental foi preparado com aração e gradagem, seguido de adubação de fundação com base em

análise química do solo. Para melhor eficiência no uso da água e menor competição com plantas daninhas, fez-se a cobertura do solo com “mulching” de filme plástico dupla face (cor preta/branca) nas linhas de plantio.

As mudas foram transplantadas em 21/10/2015, 12 dias após a semeadura, em espaçamento de 2,0 m entre linhas e 0,30 m entre plantas. A irrigação foi feita pelo sistema de gotejamento. As adubações complementares por fertirrigação, manejo fitossanitário e demais tratamentos culturais foram realizados de acordo com o recomendado para a cultura do meloeiro na região (Costa; Dias, 2010). Nenhuma medida de controle da mosca-branca foi adotada durante todo o experimento, favorecendo assim a ocorrência e a transmissão do vírus causador do amarelão, via vetor, para meloeiros saudáveis.

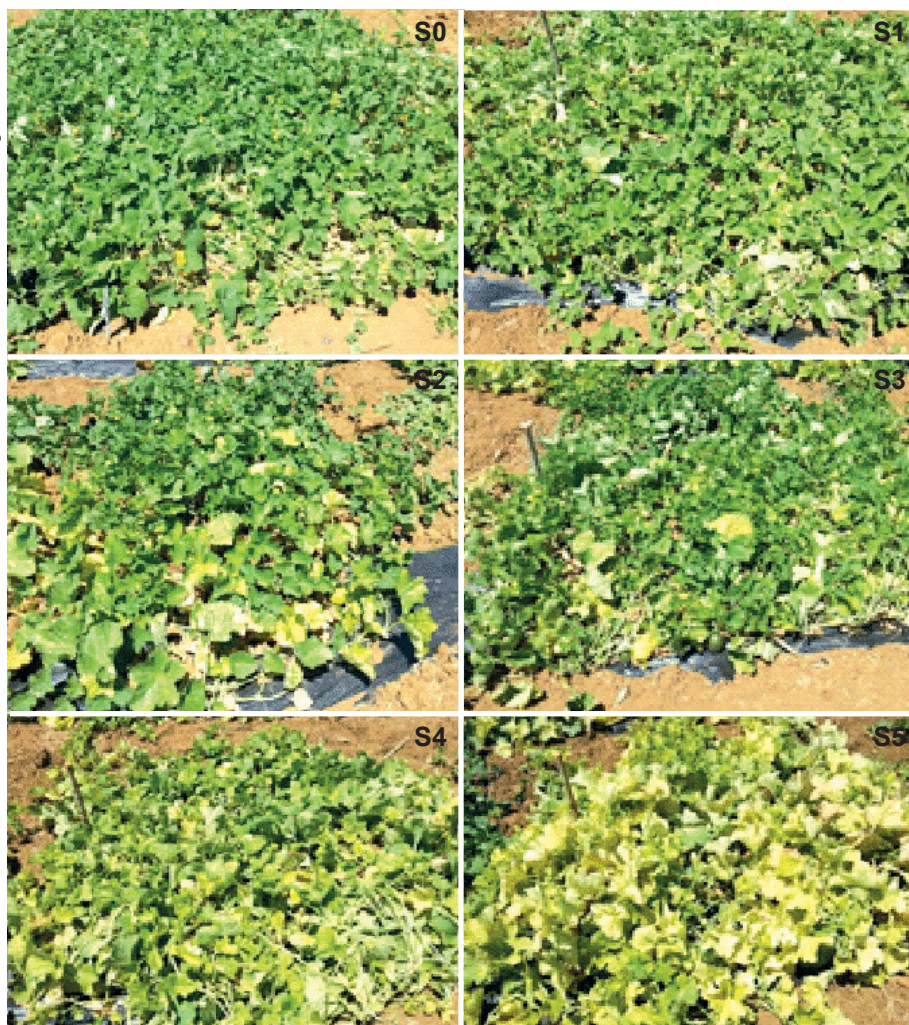
O delineamento experimental foi blocos completos casualizados com três repetições. As parcelas foram compostas por cinco plantas, todas consideradas úteis para fins de avaliação da severidade da doença. Para favorecer a ocorrência da doença e aumentar a pressão de inóculo e uniformizar os tratamentos, as parcelas foram intercaladas com linhas da cultivar Amarelo 10/00, considerada suscetível ao amarelão nas condições locais.

A severidade do amarelão nas plantas dos genótipos foi avaliada em 18/12/2015, 58 dias após o transplante das mudas para o campo. Para tal, adotou-se uma escala visual de notas para a estimativa da porcentagem da folhagem da parcela exibindo sintomas da doença (clorose), dividida em seis classes progressivas, a saber: S0 = ausência de clorose nas folhas; S1 = clorose em até 25% das folhas; S2 = clorose em mais de 25% até 50% das folhas; S3 = clorose em mais de 50% até 75% das folhas; S4 = clorose em mais de 75% até menos de 100% das folhas; S5 = clorose em 100% das folhas (Figura 1). As notas de severidade foram atribuídas por dois avaliadores independentes.

Para a detecção da presença do MYaV nas plantas, foram coletadas duas amostras de folhas de cada parcela no final do ciclo da planta e estas analisadas pelo teste DAS-Elisa (*double antibody sandwich - Enzyme-linked immunosorbent assay*; Clark e Adams, 1977), com antissoros policlonais contra o vírus (Ávila et al., 2008). As análises foram feitas no Laboratório de Virologia da Embrapa Hortaliças.



Fotos: Alexandre Augusto de Moraes



**Figura 1.** Escala visual de notas para avaliação da severidade do amarelo do meloeiro: S0 = ausência de clorose nas folhas; S1 = clorose em até 25% das folhas; S2 = clorose em mais de 25% até 50% das folhas; S3 = clorose em mais de 50% até 75% das folhas; S4 = clorose em mais de 75% até menos de 100% das folhas; S5 = clorose em 100% das folhas. Juazeiro-BA, 2015.

As notas de severidade foram analisadas considerando a metodologia não paramétrica ATS (*ANOVA Type Statistics*) proposta por Akritas e Brunner (1997) e implementada por Brunner et al. (2002). Na análise dos dados, utilizou-se o procedimento PROC MIXED (Brunner et al., 2002; Shah;



Madden, 2004) com a opção ANOVA, para obtenção da estimativa do efeito relativo dos tratamentos. Mais adequada para análise de dados ordinais, essa metodologia tornou-se mais acessível após sua implementação no SAS e após a publicação de Shah e Madden (2004), detalhando seu uso e interpretação dos resultados.

A metodologia consiste em estimar o “efeito relativo de tratamento” denotada por  $p$ , que é uma quantidade que representa a probabilidade de que a distribuição da variável aleatória  $X_1$  (F1) seja maior do que a distribuição da variável aleatória  $X_2$  (F2).

A estimativa de  $p$  é obtida pela expressão:

$\hat{p}_i = \frac{(\bar{R}_i - 0,5)}{N}$ , onde:  $\bar{R}_i$  é o ordenamento médio (*rank* médio) das observações do acesso  $i$ ;  $N$  é o número total de observações.

Os efeitos relativos de tratamentos e o *rank* médio foram estimados pela macro LD\_CI obtidas no website do Professor Edgard Brunner da Universidade de Gottingam (<<http://www.ams.med.uni-goettingen.de/de/sof/ld/makros.html>>). O cálculo do intervalo de confiança de  $p$ , que é usado para avaliar a separação dos tratamentos em termos de efeito relativo de tratamento foi feito por meio de macros SAS desenvolvidas por Brunner et al. (2002). Segundo Shah e Madden (2004), tratamentos mais distantes são aqueles que não apresentam sobreposição de intervalos de confiança dos efeitos relativos de tratamentos.

## Resultados e Discussão

---

O amarelão ocorreu de forma generalizada e uniforme na área experimental (Figura 2). A distribuição uniforme da doença foi confirmada pela presença de sintomas de clorose intensa em todas as plantas da cultivar Amarelo 10/00, utilizada como padrão de suscetibilidade, e que foi intercalada com as linhas dos genótipos testados. Portanto, o local e a época escolhidos para a instalação do experimento foram propícios para a avaliação da resposta dos genótipos à doença. O entorno da Estação Experimental de Mandacaru abriga inúmeros produtores de melão e possui histórico de alta pressão de mosca-branca e também de ocorrência de amarelão e também de outras viroses associadas ao meloeiro.

Foto: Alexandre Augusto de Moraes



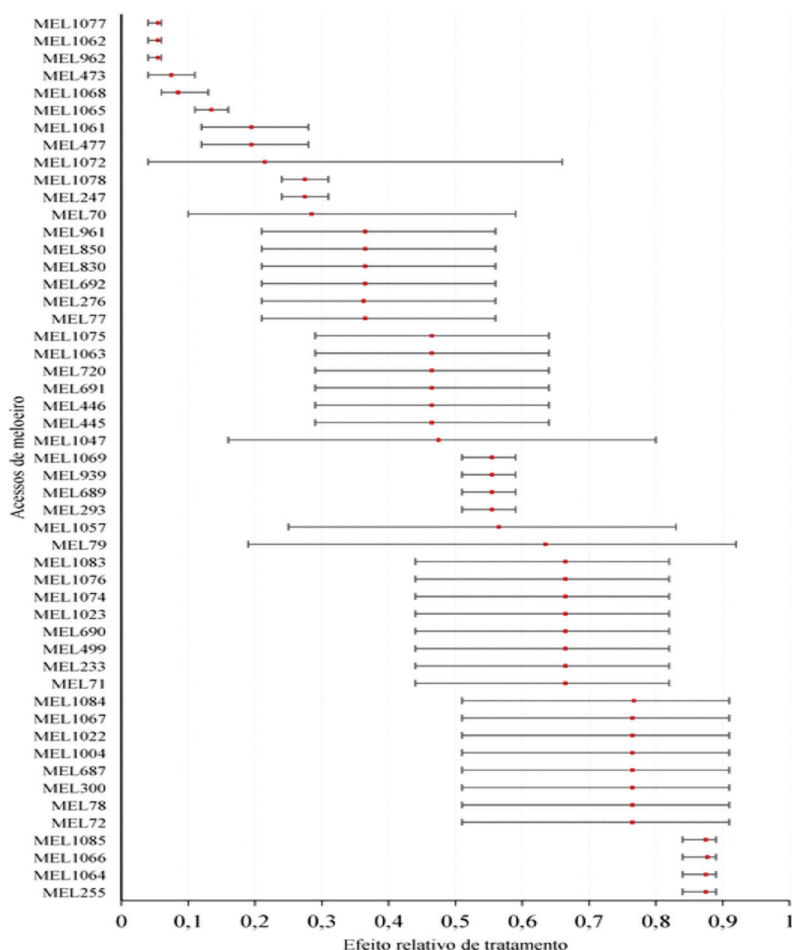
**Figura 2.** Vista geral do experimento no 58º dia após o transplante das mudas para o campo. Juazeiro-BA, 2015.

As estimativas dos efeitos relativos de tratamento ( $p$ ) baseadas na severidade dos sintomas variaram de 0,05 (genótipos MEL1077, MEL1062 e MEL962) a 0,87 (genótipos MEL1085, MEL1066, MEL1064 e MEL255), indicando que a severidade do amarelão variou substancialmente entre os genótipos avaliados (Figura 3). Os cinco genótipos do tipo Amarelo MEL1085, MEL300, MEL1022, MEL1023 e MEL1083 exibiram alta suscetibilidade ao amarelão, com valores de  $p$  iguais ou superiores a 0,66. O genótipo MEL1022 que corresponde ao “Amarelo 10/00”, padrão suscetível e que foi plantado intercalado entre as linhas dos acessos, se mostrou bastante sensível ao amarelão, com valor de  $p$  igual a 0,76.

Adotando-se 0,20 como valor de referência para  $p$ , abaixo do qual os genótipos são considerados mais promissores como fonte de resistência ao amarelão, tem-se como de maior interesse para o melhoramento o grupo formado por MEL1077, MEL1062, MEL962, MEL473, MEL1068, MEL1065, MEL1061 e MEL477 (Figura 3). Destes, MEL962, MEL1062 e MEL1077 associaram os mais baixos valores de  $p$  com os menores intervalos de confiança, indicando

alta precisão das estimativas de  $p$ . Por outro lado, MEL1061 e MEL477, apesar dos valores de  $p$  relativamente baixos (0,19), apresentaram intervalos de confiança relativamente amplos para as estimativas, indicando baixa consistência na resposta ao amarelão. Nesse caso, são genótipos cuja reação de resistência ao amarelão deve ser considerada com ressalvas.

O MEL962 é da subespécie *agrestis* e coletado na China, enquanto que o MEL1077 é da subespécie *melo*, também coletado na China. Para ambos, não há relato de serem potenciais fontes de resistência a viroses do meloeiro.



**Figura 3.** Efeito relativo de tratamento e Intervalo de Confiança (5%) dos genótipos de meloeiro avaliados quanto à severidade de sintomas de amarelão. Juazeiro-BA, 2015.

O MEL1062 e o MEL473, com valores de  $p$  iguais a 0,05 e 0,07, respectivamente, consistem do mesmo genótipo, mas com registros distintos na coleção de trabalho do Programa de Melhoramento de Meloeiro da Embrapa Hortaliças. O desempenho similar apresentado por ambos os acessos é indicativo do potencial como fonte de resistência ao amarelão. Este genótipo foi coletado na Índia e é de grande interesse para o melhoramento, pois agrega resistência a *Bemisia tabaci* (Sauvion et al., 2005). A resistência do genótipo à mosca-branca é importante tanto na redução do dano direto causado pela alimentação da praga na planta, como também do ponto de vista do manejo de viroses transmitidas por esse inseto vetor.

O MEL1068 é da subespécie *melo* e foi coletado na Índia, para o qual também não há relato de se tratar de potencial fonte de resistência a doenças do meloeiro. O MEL1065 é da subespécie *melo*, coletado na Coréia do Sul. O genótipo MEL1061 corresponde ao PI 124111, um acesso coletado na Índia e resistente a *Pseudoperonospora cubensis* (Cohen et al., 1985; Thomas et al., 1988) e a *Podosphaera xanthii*, raça 1 (Harwood; Markarian, 1968) e raça 2 (Kenigsbuch; Cohen, 1989).

Os genótipos MEL477 e MEL247, de origem indiana e com valores de  $p$  iguais a 0,19 e 0,27, respectivamente, consistem do mesmo genótipo, com registros distintos na coleção de trabalho do Programa de Melhoramento de Meloeiro. Em estudo de avaliação da resistência desse genótipo a um isolado de *Phytophthora capsici* obtido de pepino, Pontes et al. (2014) observaram reação de resistência moderada. São genótipos que, além serem potenciais fontes de resistência ao amarelão, poderão ser úteis em programas de melhoramento visando resistência a outras doenças.

Os genótipos MEL1072, MEL1078 e MEL247, pelas suas baixas estimativas de  $p$ , iguais a 0,21, 0,27 e 0,27, respectivamente, podem ser incluídos no grupo dos genótipos de interesse para melhoramento visando resistência ao amarelão, especialmente o MEL1078, que é um genótipo com padrão comercial e do tipo cantalupe. O MEL1072 corresponde ao PI 313970, da subespécie *melo*. Coletado na Índia (USDA-ARS, 2018), o PI 313970 é de grande interesse para o melhoramento, especialmente como fonte de resistência a viroses como as causadas pelo polerovirus *Cucurbit aphid*

*borne yellows virus* - CABYV (Dogimont et al., 1996); pelos crinivirus *Cucurbit yellow stunting disorder virus* - CYSDV (McCreight; Wintermantel, 2008) e *Lettuce infectious yellows virus* - LIYV (McCreight, 2000) e pelo begomovirus *Cucurbit leaf crumple virus* - CLCV (McCreight et al., 2008). Esta característica de reação de resistência do PI 313970 a CYSDV, LIYV e CLCV torna-o fonte promissora de genes de resistência, visando redução das perdas em meloeiro causadas por esses vírus. Além de resistência a viroses, o PI 313970 é resistente a *Podosphaera xanthii* (McCreight, 2003; McCreight; Coffey, 2011). Contudo, o intervalo de confiança amplo para a estimativa de  $p$  para este genótipo (Figura 3) indica baixa precisão na resposta ao amarelão e necessidade de cuidadosa reavaliação da resposta à doença.

Os genótipos MEL1064, MEL1066, MEL1085 e MEL255 formaram o grupo de acessos que apresentaram as maiores estimativas de  $p$  e que, portanto, apresentaram os maiores índices de severidade, com altas porcentagens de folhas cloróticas (Figura 3).

Os testes sorológicos mostraram que nem todas as amostras com sintomas de amarelecimento coletadas de meloeiros foram positivas para o MYaV (Tabela 2). Nesse caso, a ausência de reação do extrato das plantas contra o antissoro empregado na análise das amostras para o MYaV pode ter ocorrido devido a: (i) distribuição irregular do vírus na planta; (ii) baixo título viral decorrente da senescência da planta na época da coleta - as amostras para análise sorológica foram coletadas no final do ciclo da cultura, pouco antes da colheita; (iii) baixa concentração do vírus na planta, pois MYaV é restrito ao floema da planta e, portanto, pode se encontrar abaixo do limiar de detecção da técnica; (iv) ocorrência de outras espécies virais nas plantas - sintomas de clorose observados em meloeiro podem ter sido induzidos por outras espécies virais como, por exemplo, por CABYV, conforme identificado por Costa et al. (2018) em meloeiros sintomáticos no Nordeste do Brasil; (v) outras causas - sintomas de amarelecimento podem ser devidos a causas abióticas como deficiência nutricional ou mesmo a outros fatores bióticos como, por exemplo, a ocorrência de outros patógenos. Os controles positivos e negativos utilizados na reação reagiram como esperado. Vale ressaltar que os resultados da análise sorológica foram, em geral, consistentes com a análise visual dos sintomas.

**Tabela 2.** Análise sorológica (método DAS-ELISA com antissoro policlonal contra *Melon yellowing associated virus*) de amostras de 51 genótipos de meloeiro coletadas em ensaio de campo realizado sob condições de infecção natural. Juazeiro-BA, 2015.

Genótipo	Plantas positivas para MYaV (%)
MEL1077	0
MEL1062	0
MEL962	0
MEL473	16,7
MEL1068	16,7
MEL1065	33,3
MEL1061	33,3
MEL477	16,7
MEL1072	16,7
MEL1078	50,0
MEL247	33,3
MEL70	33,3
MEL961	33,3
MEL850	33,3
MEL830	50,0
MEL692	50,0
MEL276	33,3
MEL77	33,3
MEL75	50,0
MEL1063	50,0
MEL720	50,0
MEL691	33,3
MEL446	50,0
MEL445	50,0
MEL1047	50,0
MEL1069	66,7
MEL939	50,0
MEL689	50,0
MEL293	50,0
MEL1057	50,0
MEL79	50,0

(Continua)

**Tabela 2.** Continuação

Genótipo	Plantas positivas para MYaV (%)
MEL1083	50,0
MEL1076	50,0
MEL1074	50,0
MEL1023	33,3
MEL690	33,3
MEL499	50,0
MEL233	50,0
MEL71	33,3
MEL1084	50,0
MEL1067	66,7
MEL1022	83,3
MEL1004	50,0
MEL687	66,7
MEL300	66,7
MEL78	66,7
MEL72	50,0
MEL1085	83,3
MEL1066	66,7
MEL1064	83,3
MEL255	66,7

Os resultados da avaliação da resposta de 51 genótipos de *Cucumis melo* ao “amarelão”, conduzido sob infecção natural no Projeto Mandacaru, Juazeiro-BA, forneceram informações importantes sobre as potenciais fontes de resistência/tolerância de genótipos de meloeiro à doença. Os genótipos relatados como potencialmente resistentes neste estudo precisam ser testados contra o MYaV em condições controladas com inoculação do vírus por mosca-branca e, também, por enxertia. Essa etapa será fundamental para a identificação de fontes de resistência à doença, propiciando sua utilização como doadoras de genes em programas de melhoramento que visem à resistência a MYaV.

## Conclusões

---

Há variabilidade na resposta de genótipos de meloeiro ao MYaV em condições de ocorrência natural da doença no campo. Os genótipos MEL962, MEL1061, MEL1062, MEL1065, MEL1068, MEL1077, MEL473 e MEL477 são considerados como potenciais fontes de resistência à doença, especialmente MEL962, MEL1062 e MEL1077, cujas taxas de infecção e severidade foram sistematicamente baixas.

## Referências

---

- ABOU-JAWDAH, Y.; SOBH, H.; FAYAD, A.; LECOQ, H. First report of cucurbit aphid borne yellows Luteovirus in Lebanon. **Plant Disease**, v. 81, p. 1331, 1997.
- AKRITAS, M. G.; BRUNNER, E. A unified approach to rank tests for mixed models. **Journal of Statistical Planning and Inference**, v. 61, p. 249-277, 1997.
- ÁVILA, A. C.; INOUE-NAGATA, A. K.; NEVES, F. M.; MATOS, L. G.; DIAS, R. C. S.; RANGEL, M.; NAGATA, T. Produção do anti-soro e detecção por DAS-Elisa do *Melon yellowing-associated virus* em meloeiro. **Tropical Plant Pathology**, v. 33, p. 245-247, 2008.
- BRUNNER, E.; DOMHOF, S.; LANGER, F. **Nonparametric analysis of longitudinal data in factorial experiments**. New York: John Wiley & Sons, 2002. 261 p.
- CLARK, M. F.; ADAMS, A. N. Characteristics of the microplate method of enzyme linked immunosorbent assay for the detection of plant viruses. **Journal of General Virology**, v. 34, p. 475-483, 1977.
- COHEN, Y.; COHEN, S.; EYAL, H.; THOMAS, C. E. Inheritance of resistance to downy mildew in *Cucumis melo* PI 124111. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, v. 8, p. 36-38, 1985.
- COSTA, T. M.; BLAWID, R.; da COSTA JÚNIOR, A. C.; LIMA, M. F.; de ARAGÃO, F. A. S.; de ANDRADE, G. P.; PIO-RIBEIRO, G.; ARANDA, M. A.; INOUE-NAGATA, A. K.; NAGATA, T. Complete genome sequence of *Melon yellowing-associated virus* from melon plants with the severe yellowing disease in Brazil. **Archives of Virology**, v. 162, n. 12, p. 3899-3901, 2017.
- COSTA, T. M.; BLAWID, R.; ARANDA, M. A.; FREITAS, D. M. S.; ANDRADE, G. P.; INOUE-NAGATA, A. K.; NAGATA, T. Cucurbit aphid-borne yellows virus from melon plants in Brazil is an interspecific recombinant. **Archives of Virology**, v. 164, n. 1, p. 249-256, 2019.
- COSTA, N. D.; DIAS, R. C. S. Tratos culturais. In: COSTA, N. D. (Ed.). **Sistema de produção de melão**. Petrolina: Embrapa Semiárido, 2010. Disponível em: <<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Melao/SistemaProducaoMelao/plantio.html>>. Acesso em: 08 set. 2015.



DOGIMONT, C.; SLAMA, S.; MARTIN, J.; PITRAT, M. Sources of resistance to cucurbit aphid-borne yellows luteovirus in a melon germplasm collection. **Plant Disease**, v. 80, p. 1379-1382, 1996.

HARWOOD, R. R.; MARKARIAN, D. The inheritance of resistance to powdery mildew in the cantaloupe variety Seminole. **Journal of Heredity**, v. 59, p. 126-130, 1968.

JUAREZ, M.; TRUNIGER, V.; ARANDA, M. A. First report of cucurbit aphid-borne yellows virus in Spain. **Plant Disease**, v. 88, p. 907, 2004.

KENIGSBUCH, D.; COHEN, Y. Independent inheritance of resistance to race-1 and race-2 of *Sphaerotheca fuliginea* in musk melon. **Plant Disease**, v. 73, p. 206-208, 1989.

LEMAIRE, O.; GUBLER, W. D.; VALENCIA, J.; LECOQ, H.; FALK, B. W. First report of cucurbit aphid-borne yellows luteovirus in the Unites States. **Plant Disease**, v. 77, p. 1169, 1993.

LIMA, M. F.; NAGATA, T.; NEVES, F. M.; INOUE-NAGATA, A. K.; MOITA, A. W.; SOUSA, C.; DELLA VECCHIA, M.; RANGEL, M. G.; DIAS, R. C. S.; DUTRA, L. S.; ÁVILA, A. C. Detecção por sorologia do *Melon yellowing-associated virus* (MYaV) em áreas produtoras de melão no Nordeste brasileiro. **Horticultura Brasileira**, v. 27, p. 473-478, 2009.

LIMA, M. F.; NAGATA, T.; INOUE-NAGATA, A. K.; DIAS, R. C. S.; DUTRA, L. S.; ÁVILA, A. C. O 'Amarelão' do melão: incidência e epidemiologia em áreas produtivas da região Nordeste. Brasília: EMBRAPA-CNPq, 2008. 6 p. (EMBRAPA-CNPq. Circular Técnica, 58).

LIMA, J. A. A.; RAMOS, N. F.; SALES JÚNIOR, R.; LIMA, R. C. A.; MATSUOKA, K. Estudos preliminares do vírus do amarelão do meloeiro. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FITOPATOLOGIA, 35, 2002, Recife. **Palestras e resumos...** Brasília, DF: Sociedade Brasileira de Fitopatologia - SBF, 2002. v. 27 (Suplemento), p. S207.

McCREIGHT, J. D.; WINTERMANTEL, W. M. Potential new sources of genetic resistance in melon to Cucurbit yellow stunting disorder virus. In: PITRAT, M. (Ed.). CUCURBITACEAE 2008: EUCARPIA MEETING ON GENETICS AND BREEDING OF CUCURBITACEAE, 9., 2008, Avignon. **Proceedings...** Avignon: INRA, 2008. p. 173-179.

McCREIGHT, J. D. Inheritance of resistance to lettuce infectious yellows virus in melon. **Hortscience**, v. 35, p. 1118-1120, 2000.

McCREIGHT, J. D.; LIU, H. Y.; TURINI, T. A. Genetic resistance to Cucurbit leaf crumple virus in melon. **HortScience**, v. 43, p. 122- 126, 2008.

McCREIGHT, J. D.; COFFEY, M. D. Inheritance of resistance in melon PI 313970 to cucurbit powdery mildew incited by *Podosphaera xanthii* race S. **HortScience**, v. 46, p. 838-840, 2011.

McCREIGHT, J. D. Genes for resistance to powdery mildew races 1 and 2US in melon PI 313970. **Hortscience**, v. 38, p. 591- 594, 2003.

MNARI-HATTAB, M.; KUMMERT, J.; ROUSSEL, S.; EZZAIZER, K.; ZOUBA, A.; JIJAKLI, M. J. First report of Cucurbit aphid-borne yellows virus in Tunisia causing yellows on five cucurbitaceous species. **Plant Disease**, v. 89, p. 776, 2005.

NAGATA, T.; KITAJIMA, E. W.; ALVES, D. M. T.; CARDOSO, J. E.; INOUE-NAGATA, A. K. OLIVEIRA, M. R. V.; de AVILA, A. C. Isolation of a novel carlavirus from melon in Brazil. **Plant Pathology**, v. 52, p. 797, 2003.

NAGATA, T.; ALVES, D. M. T.; INOUE-NAGATA, A. K.; TIAN, T. Y.; KITAJIMA, E. W.; CARDOSO, J. E.; de AVILA, A. C. A novel flexivirus transmitted by whitefly. **Archives of Virology**, v. 150, p. 379-387, 2005.

OLIVEIRA, F. I. C. da; GRAGEIRO, L. C.; NEGREIROS, M. Z. de; NUNES, G. H. de. S.; ARAGAO, F. A. S. de. Sistema de produção de melão no polo agrícola Jaguaribe-Açu. In: FIGUEIRÊDO, M. C. B. de; GONDIM, R. S.; ARAGÃO, F. A. S. de (Eds.). **Produção de melão e mudanças climáticas: sistemas conservacionistas de cultivo para redução das pegadas de carbono e hídrica**. Brasília, DF: Embrapa, 2017. p. 45-76. Parte 1, Cap. 3.

PONTES, N. C.; AGUIAR, F. M.; BOITEUX, L. S.; LIMA, M. L. P.; OLIVEIRA, V. R.; CAFÉ FILHO, A. C.; REIS, A. Identification of sources of seedling resistance to *Phytophthora capsici* in *Cucumis melo*. **Tropical Plant Pathology**, v. 39, n. 1, p. 74-81, 2014.

SAUVION, N.; MAURIELLO, V.; RENARD, B.; BOISSOT, N. Impact of melon accessions resistant to aphids on the demographic potential of silverleaf whitefly. **Journal of Economic Entomology**, v. 98, n. 2, p. 557-67, 2005.

SHAH, D. A.; MADDEN, L. V. Nonparametric analysis of ordinal data in designed factorial experiments. **Phytopathology**, v. 94, p. 33-43, 2004.

SILVA, F. H. B. B.; SILVA, M. S. L.; CAVALCANTI, A. C.; CUNHA, T. J. F. **Principais solos do semi-árido do nordeste do Brasil**. Recife, PE: EMBRAPA-CNPS, 2005. 35 p.

THOMAS, C. E.; COHEN, Y.; MCCREIGHT, Y. D.; JOURDION, E. L.; COHEN S. Inheritance of resistance to downy mildew in *Cucumis melo*. **Plant disease**, v. 72, p. 33-35, 1988.

USDA-ARS. **GRIN global software disclaimer**. 2018. Disponível em: <<https://npgsweb.ars-grin.gov/gringlobal/search.aspx>>. Acesso em: 15 março 2018.





MINISTÉRIO DA  
AGRICULTURA, PECUÁRIA  
E ABASTECIMENTO



PÁTRIA AMADA  
**BRASIL**  
GOVERNO FEDERAL

CGPE 15328